

Note d'information :

Détection par métagénomique d'un orthobunyavirus apparenté au virus de Schmallerberg, agent causal potentiel de cas épidémiologiques de « diarrhée, fièvre, abattement et chute de production » affectant les vaches laitières dans l'Est de la France et en Suisse

V1 – Mise à jour 1^{er} Août 2026

1. Contexte - historique

Des cas de diarrhée aigue, accompagnés de fièvre, abattement et baisse de production laitière ont été observés dans plusieurs départements de l'Est de la France (Doubs, Ain, deux Savoie) et en Suisse.

Dans un premier temps, la diarrhée a été rapportée comme l'élément clinique majeur et a été au centre des investigations diagnostiques. Il est apparu qu'elle était sans doute l'un des éléments cliniques d'un syndrome marqué par un épisode fébrile de courte durée (quelques jours maximum) non systématique, d'une baisse d'activité et d'une baisse temporaire mais souvent consécutive de la production laitière.

Des investigations ont porté sur les facteurs météorologiques très défavorables (températures très élevées) et les perturbations nutritionnelles et métaboliques potentiellement associées. Elles ont également porté sur des agents d'entérite virale (coronavirus) ou de syndrome fébrile. **Des tests PCR ciblant le virus de Schmallerberg (SBV) ont notamment été réalisés et à ce jour, à notre connaissance, sont tous négatifs.**

Les cas se sont multipliés ces derniers jours, rapportés par de nombreux vétérinaires dans les départements concernés. Des cas ont également été documentés en Suisse ([voir cet article](#)).

2. Investigations

Sur la base des constatations épidémiologiques-cliniques et en l'absence de détection d'agent infectieux testés en 1^{ère} intention par les laboratoires départementaux d'analyse, des échantillons biologiques ont été adressés à l'ENVT, plateforme de métagénomique clinique METAPATH, pour recherche métagénomique sans *a priori* d'agents étiologiques potentiellement associés à ces troubles de santé :

- Dans un 1^{er} temps (3 juillet 2026) : le Laboratoire Départemental du Doubs nous a référé des échantillons de fèces de vaches présentant des diarrhées aiguës. **Les résultats de l'analyse métagénomique sur prélèvements fécaux étaient négatifs (absence de détection d'agent pathogène potentiel, viral ou bactérien).**
- Dans un second temps (27 Juillet 2026) : suite aux résultats négatifs de cette première analyse et à l'extension des cas rapportés par plusieurs cabinets et cliniques vétérinaires, le cabinet vétérinaire de Croseilles (DV. Anne-Lise ROUSSET) nous a adressé des échantillons biologiques liés à de nouveaux cas. Sur nos recommandations, il a alors été convenu de prélever, chez des animaux en phase fébrile et/ou de baisse de production, des sérums et/ou plasmas en plus des matières fécales.

Ces derniers échantillons ont été reçus ce mardi 28 Juillet 2026, ils proviennent de plusieurs exploitations laitières de Haute Savoie, secteur de Croseilles (aucun échantillon suisse n'a été analysé), et ont été analysés en mélanges :

- Trois mélanges de plasmas
- Trois mélanges de selles

Ces six échantillons ont été soumis au protocole d'analyse métagénomique :

- Extraction et validation de la qualité des acides nucléiques
- Pré-amplification par technique « SMART-9N » et préparation de libraires (ADN et ARN) de séquençage haut débit par technologie Oxford Nanopore Technologies
- Analyse bio-informatique des séquences produites et analyse phylogénétique

3. Résultats (mise à jour 31 juillet)

Pour chaque échantillon, environ 2 millions de « lectures » (segments de séquences) ont été produites et soumises à l'analyse bioinformatique.

L'analyse bioinformatique initiale a permis d'identifier des lectures apparentées aux orthobunyavirus / séro groupe Simbu dans les 3 pools de plasma :

- Mélange plasma #1 : 1000 séquences
- Mélange plasma #2 : 42000 séquences
- Mélange plasma #3 : 3500 séquences

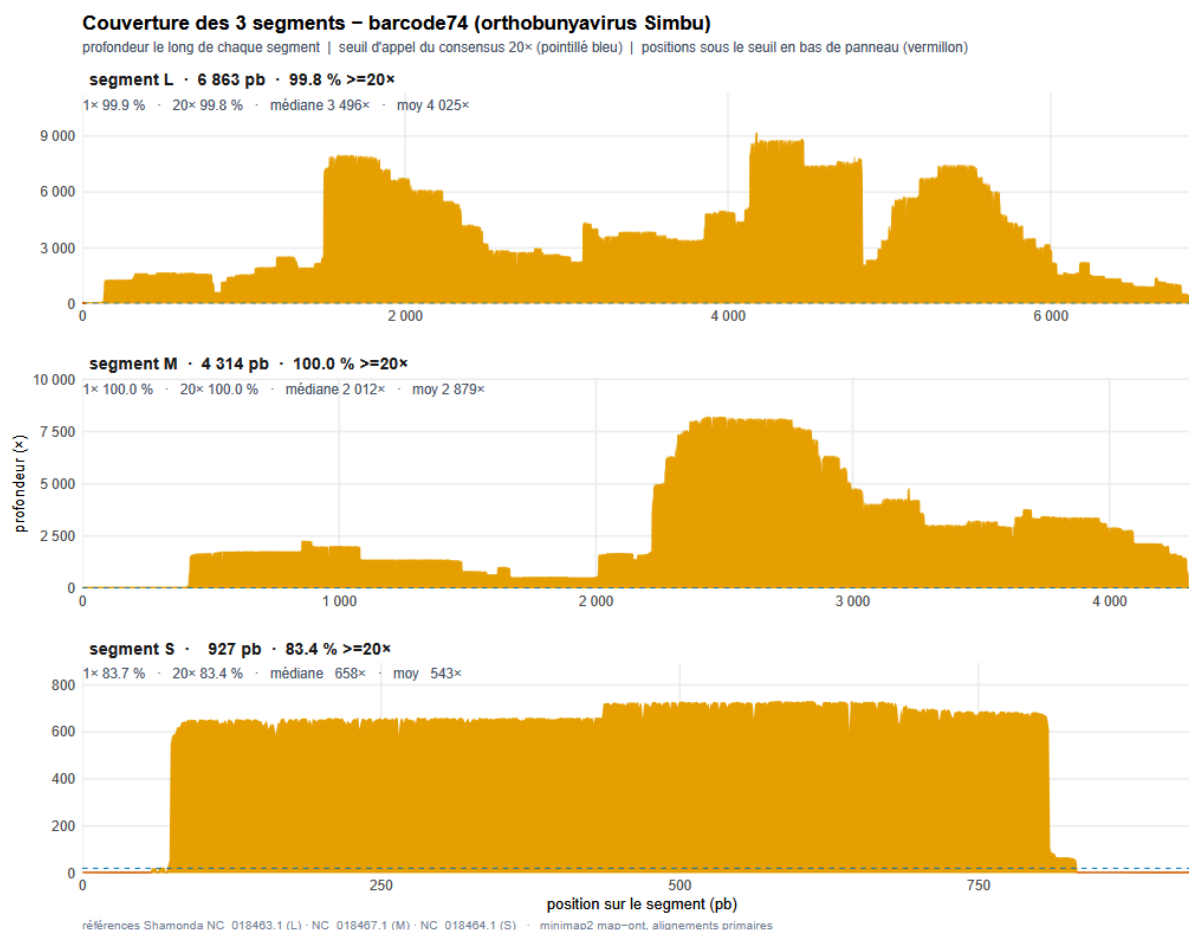
Un nombre très faible de séquence (<500) a également été détecté dans les selles.

A titre d'illustration, les séquences d'orthobunyavirus détectées dans l'échantillon de plasma #2 présentaient ce profil de similarité génétique :

seg	rang	accession	espèce	souche / isolat	identité %	alignement pb	couv. requête	bitscore
L	1	NC_018463.1	Shamonda virus	Ib An 5550	93.02	6 851	99 %	10 201
L	2	KX384874.1	Schmallenberg virus	SBV-Hun7 segment L RdRp ...	89.34	6 851	99 %	9 065
L	3	KC139363.1	Schmallenberg virus	Na1 isolate Na1-BHK21-P2...	89.34	6 851	99 %	9 065
L	4	KC139362.1	Schmallenberg virus	Na1 isolate Na1-CNS RNA...	89.33	6 851	99 %	9 060
L	5	KC355454.1	Schmallenberg virus	HL1 segment L	89.33	6 851	99 %	9 060
L	6	KM047416.1	Schmallenberg virus	79.4 segment L	89.33	6 851	99 %	9 060
L	7	KM047420.1	Schmallenberg virus	102.2 segment L	89.33	6 851	99 %	9 060
L	8	KX384859.1	Schmallenberg virus	SBV-Hun2 segment L RdRp ...	89.31	6 851	99 %	9 056
M	1	NC_018467.1	Shamonda virus	Ib An 5550	92.65	4 312	99 %	6 344
M	2	AB698475.1	Shamonda virus		92.51	4 287	99 %	6 285
M	3	LC741388.1	Shamonda orthobunyavirus KSB-6/C/02 viral cRNA,		87.33	4 311	99 %	5 314
M	4	AB698476.1	Shamonda virus		87.29	4 287	99 %	5 275
M	5	AB698477.1	Shamonda virus		87.12	4 287	99 %	5 243
M	6	LC198190.1	Shamonda orthobunyavirus M		86.59	4 287	99 %	5 141
M	7	LC198188.1	Shamonda orthobunyavirus M		86.54	4 287	99 %	5 134
M	8	LC198189.1	Shamonda orthobunyavirus M		86.54	4 287	99 %	5 130
S	1	NC_018464.1	Shamonda virus	Ib An 5550	97.38	762	82 %	1 285
S	2	LC741389.1	Shamonda orthobunyavirus KSB-6/C/02 viral cRNA,		96.59	762	82 %	1 258
S	3	AB183279.1	Shamonda virus		96.67	751	81 %	1 242
S	4	AB183278.1	Shamonda virus		96.54	751	81 %	1 238
S	5	NC_043582.1	Schmallenberg virus	F6 segment S	95.93	762	82 %	1 235
S	6	HE649914.1	Schmallenberg virus	BH80/11-4	95.93	762	82 %	1 235
S	7	KP731865.1	Schmallenberg virus	BH619/12 segment S nucle...	95.93	762	82 %	1 235
S	8	AB183283.1	Shamonda virus		96.54	751	81 %	1 234

dc-megablast et non megablast : ce dernier est calibré pour du ≥95 % intra-espèce et manquerait un parent à 93 %. Lignes en surbrillance = meilleur hit du segment. La couverture de requête de 82 % sur le segment S vient des 152 N du consensus.

Un alignement sur le génome de référence le plus proche a permis d'assembler une couverture sur la quasi-totalité des trois segments constitutifs du génome viral :



L'analyse phylogénétique a permis de confirmer l'affiliation aux orthobunyavirus de génotype Shamonda/Schmallenberg.

Cette analyse phylogénétique, réalisée en 1^{ère} intention sur les trois segments génomiques, doit être affinée avant de présenter des arbres phylogénétiques robustes. Elle doit donc être considérée avec prudence à ce stade.

4. Discussion

Les données issues du séquençage par métagénomique suggèrent la détection d'un orthobunyavirus du séro groupe Simbu apparenté au virus de Schmallenberg dans les échantillons de plasma soumis à l'analyse. Les charges génomiques dans les selles sont beaucoup plus faibles, ce qui est en accord avec la physiopathologie de ces infections virales.

La taxonomie des orthobunyavirus du séro groupe Simbu est très complexe et confuse : il convient donc de consolider les analyses phylogénétiques et d'analyser notamment certains polymorphismes par rapport aux souches de SBV identifiées en Europe depuis 2011.

Les orthobunyavirus sont des virus enveloppés à ARN simple brin négatif, dont le génome est réparti en trois segments, dénommés S, M et L. Plusieurs membres du séro groupe Simbu, notamment les virus

de Schmallenberg, Shamonda et Akabane, infectent les ruminants et sont transmis principalement par des insectes du genre *Culicoides*. Chez les bovins adultes, ils peuvent provoquer un syndrome aigu généralement transitoire, associant fièvre, abattement et baisse de production. Leur principal impact sanitaire est toutefois lié aux infections survenant pendant la gestation, susceptibles d'entraîner des avortements ou des malformations congénitales.

Leur génome segmenté favorise par ailleurs les phénomènes de réassortiment, ce qui peut compliquer leur classification et leur détection moléculaire.

Les résultats négatifs obtenus avec les tests PCR ciblant le SBV pourraient être liés à la divergence génétique du virus détecté. Cette hypothèse devra être vérifiée par l'analyse des sites d'hybridation des amorces et sondes, puis par des essais comparatifs sur les échantillons positifs. **À ce stade, l'hypothèse d'un défaut de détection par les tests PCR ciblant le SBV reste à confirmer.**

La détection de cet orthobunyavirus appelle plusieurs questions et investigations complémentaires :

- **L'association de causalité doit être consolidée**, notamment en confirmant la détection moléculaire de ce virus sur les autres cas constatés dans les élevages prélevés sur des animaux en phase aigüe de l'épisode clinique. Nous développerons en urgence un test RT-PCR susceptible de détecter ce virus et d'être transféré vers les laboratoires publics.
- **L'affiliation taxonomique exacte sera affinée** dans les prochains jours.

A ce stade, cette émergence virale suggère :

- Une relation directe avec l'activité vectorielle, en lien avec les conditions climatiques, tous les membres de cette famille virale présentant une diffusion vectorielle.
- **Une gravité médicale faible à court terme**, mais qui pourrait être plus significative, dans les prochains mois, pour les vaches infectées en cours de gestation.
- **Un échappement aux outils diagnostiques moléculaires actuellement validés pour le SBV**, qui devront donc être développés en urgence pour détecter ce virus.

Remerciements :

- Ces investigations ont été menées à l'initiative du Laboratoire Départemental du Doubs (Dr Marc HESSEMAN et collègues) et des vétérinaires praticiens (DV's Anne-Lise ROUSSET, Fabien PLENNECASSAGNE et Nicolas HERMAN), en lien avec l'unité de Pathologie des Ruminants ENVT (Profs. François SCHELCHER et Gilles MEYER).
- Les analyses de métagénomique ont été réalisées sur la plateforme METAPATH, ENVT par Delphine Chrétien et Mikail KELLECI, avec l'appui scientifique de Guillaume CROVILLE, Benjamin LINARD (INRAE, unité MIAT) et Jean-Luc GUERIN.
- La plateforme METAPATH (ENVT – UMR INRAE-ENVT IHAP) est financée par la Région Occitanie et participe au projet PEPR « Elevages Durables » financé dans le cadre du plan France 2030.

Contacts :

- Plateforme de métagénomique clinique METAPATH : metapath@envt.fr / jean-luc.guerin@envt.fr
- Pathologie des ruminants – ENVT : gilles.meyer@envt.fr / françois.schelcher@envt.fr